胶瘤菌属和孔生胶瘤菌——中国新记录属、种

朱学泰[1*]，杜璠[1]，冶晓燕[2]，范佳馨[1]，蒋长生[3]

（1. 西北师范大学 生命科学学院，兰州 730070；2. 甘肃省临夏回族自治州农业科学院，甘肃 临夏 731100；3. 甘肃省连城国家级自然保护区管理局，甘肃 永登 730333）

摘要：该文通过形态特征研究和基于 ITS 序列的分子系统学分析，对采自甘肃省连城国家级自然保护区的 1 份形态特殊的胶瘤菌属标本进行分类学研究。结果表明：该标本是孔生胶瘤菌（新拟）（*Carcinomyces polyporina*），隶属于担子菌门（Basidiomycota）、银耳纲（Tremellomycetes）、银耳目（Tremellales）、胶瘤菌科（新拟）（Carcinomycetaceae）。该物种代表了中国的 1 个新记录属、种，是该属在东亚地区的首次报道。孔生胶瘤菌寄生于多孔菌类真菌的子实体上，形成胶质状菌瘿，担子纵裂，担孢子常萌发形成分生孢子。研究标本保存于中国科学院昆明植物研究所标本馆隐花植物标本室，馆藏号为 HKAS 115765。

关键词：新记录属，新记录种，孔生胶瘤菌，连城自然保护区，系统分类

中图分类号：Q949　　　　　　　**文献标识码：**A

New records of species *Carcinomyces polyporina* and genus *Carcinomyces* in China

ZHU Xuetai[1]*, DU Fan[1], YE Xiaoyan[2], FAN Jiaxin[1], JIANG Changsheng[3]

(1. *College of Life Sciences, Northwest Normal University*, Lanzhou 730070, China; 2. *Linxia Hui Autonomous Prefecture Academy of Agricultural Sciences*, Linxia 731100, Gansu, China; 3. *Management Bureau of Liancheng National Nature Reserve*, Yongdeng 730333, Gansu, China)

Abstract: This study reported a macrofungus specimen with special morphology collected from Liancheng National Nature Reserve in Gansu Province. Morphological characteristics observation and molecular phylogenetic analysis based on ITS sequences were performed. The results showed that the specimen was *Carcinomyces polyporina*, belonging to Basidiomycota, Tremellomycetes, Tremellales, Carcinomycetacea, wihch represents a newly recorded genus and species in China, and was the first report of this genus in East Asia. *Carcinomyces polyporina* was characterized by parasitism on polypores fruitbody, forming colloidal mycocecidium, basidia with longitudinally septate, and conidia commonly gemmated from basidiospores. The specimen was deposited in the Herbarium of Cryptoflora, Kunming Institute of Botany, Chinese Academy of Sciences (HKAS 115765).

Key words: new record genus，new record species，*Carcinomyces polyporina*，Liancheng National Nature Reserve，system classification

胶瘤菌属（新拟）（*Carcinomyces*）由 Oberwinkler 和 Bandoni 于 1982 年建立，最初置于异担子菌纲（Heterobasidiomycetes），胶瘤菌科（新拟）（Carcinomycetaceae）中，所属目当时未确定（Oberwinkler & Bandoni, 1982）。该属真菌通常寄生于某些担子菌子实体或植物上(Fungsin et al., 2002；Crous et al., 2019)，常导致宿主的局部组织肿瘤状生长，形成透明至半透明胶质状菌瘿结构，新鲜时呈无色至淡黄色；其菌丝末端可同时形成分生孢子梗和担子。

基金项目：国家自然科学基金(31770588)；甘肃省荒漠化与风沙灾害防治重点实验室开放基金（GSDC201901）[Supported by National Natural Science Foundation of China (31770588); Open Fund of Gansu State Key Laboratory Breeding Base of Desertification and Aeolian Sand Disaster Combating (GSDC201901)]。

第一作者：朱学泰（1979-），副教授，硕士生导师，主要从事大型真菌分类及多样性研究，（E-mail）zhuxuetai@nwnu.edu.cn。

*通信作者

孔生胶瘤菌（*Carcinomyces polyporina*）发表于 1970 年，最初被置于银耳属（*Tremella*）中（Reid, 1970）；1982 年，Oberwinkler 和 Bandoni 因其具菌瘿状的子实体，将其并入了胶瘤菌属（Oberwinkler & Bandoni, 1982）；但是 1986 年 Ginns 将胶瘤菌属的模式种 *Carcinomyces effibulatus* 并入了链孢耳属（*Syzygospora*）中（Ginns, 1986），自此研究者就胶瘤菌属是否成立产生了争议，孔生胶瘤菌的归属问题也悬而未决。

近年来，银耳纲的分子系统发育分析研究结果显示，*Carcinomyces effibulatus*（Ginns, 1978）、*Carcinomyces arundinariae*（Fungsin et al., 2002）和孔生胶瘤菌，应隶属于担子菌门（Basidiomycota）、银耳纲（Tremellomycetes）、银耳目（Tremellales）、胶瘤菌科（Carcinomycetaceae）、胶瘤菌属，与链孢耳属亲缘关系较远（Liu et al., 2015；Crous et al., 2019）。Crous 等（2019）依据分子系统学和形态学的证据，发表了物种 *Carcinomyces nordestinensis*，所构建的系统发育树也支持胶瘤菌属成立，隶属于银耳目、胶瘤菌科。

胶瘤菌属真菌此前在我国未见有报道。本研究对采集自我国的 1 号该属真菌标本进行了形态解剖学与分子系统学研究。

1 材料与方法

1.1 标本信息

所研究标本于 2019 年 8 月 1 日采自甘肃省兰州市永登县，连城国家级自然保护区内棚子沟，针阔混交林中，地理位置为 102°44′55.257″ E，36°37′42.288″ N，海拔 1 941 m，主要植被为青海云杉（*Picea crassifolia*）、青杆（*Picea wilsonii*）、红桦（*Betula albosinensis*）等。标本采集号为 ye629，标本馆保藏号为 HKAS 115765。

1.2 形态学观察

使用 Panasonic lux 10 相机拍摄生态照片；用解剖镜（Motic SMZ-171）观察干标本的颜色、形状等；制作徒手切片，使用 5%的 KOH 溶液制作水封片，在光学显微镜（ZEISS AX10）下观察显微结构，用 Canon 70D 相机拍摄显微照片。分别选取 20 个成熟的分生孢子和担孢子进行测量，长、宽以(a) b～c (d)表示，a 和 d 分别表示测量的最大值与最小值，b、c 表示 90%的置信区间；孢子长宽比用 Q 表示，Q_m = Q 的均值 ± 标准差（Wu et al., 2016）。

1.3 分子系统学分析

用 CTAB 法提取标本的总 DNA，对 ITS（internal transcribed spacer 内转录间隔区片段）进行扩增，引物为 ITS5/ ITS4（ITS5: 5′-GGAA GGTA AAAG TCAA GG -3′，ITS4: 5′- TCCT CCGC TTAT TGAT ATGC -3′）（White et al., 1990）。PCR 产物由北京奥科鼎盛生物科技有限责任公司测序，所得的基因序列用 BioEdit 进行手动校对调整（Hall, 1999），在 NCBI 中进行 Blast 比对，最终将准确的序列信息提交至 Genbank 库中。

参考 Liu 等（2015）的研究结果，从 GenBank 数据库中选取相关的 ITS 序列，加上本研究获得的序列构建矩阵。使用 RAxML 8.1.24 软件基于最大似然法（maximum likelihood）构建系统发育树，碱基替代模型为 GTRGAMMAI，其余参数设置均为默认值（Stamatakis, 2014）；使用 MEGA 7.0.26 软件基于邻接法 NJ（neighbor joining）进行系统发育分析；Bootstrap 均重复 1 000 次以获得统计学支持。

所选序列的物种名称、来源地及 GenBank 登录号见表 1。

表 1 构建系统发育树的 ITS 序列信息

Table 1 Informations of ITS sequences used to construct phylogenetic tree

GenBank 登录号 GenBank accession No.	样本名称 Sample name	标本号 Specimen No.	标本来源地 Location
JN053501	孔生胶瘤菌 *Carcinomyces polyporina*	AM20	西班牙 Spain
MZ198241	**孔生胶瘤菌 *Carcinomyces polyporina***	**HKAS 115765**	**中国 China**
JN053499	*Carcinomyces effibulatus*	AM6	西班牙 Spain
KY102550	*Carcinomyces arundinariae*	CBS: 9931	荷兰 Netherlands
MK659873	*Carcinomyces nordestinensis*	BRT-317	巴西 Brazil

AF444477	喜润楠考克娃酵母 *Kockovaella machilophila*	CBS: 8607	美国 USA
AF444337	帚状费尔氏酵母 *Fellomyces penicillatus*	CBS: 5492	美国 USA
AF444320	多形拟梗孢酵母 *Sterigmatosporidium polymorphum*	CBS: 8088	美国 USA
KY103412	*Fibulobasidium murrhardtense*	CBS: 9190	荷兰 Netherlands

注：加粗字体者为本研究新提交序列。

Note: The bold letters means the newly submitted.

2 结果与分析

基于 ITS 序列，采用最大似然法和邻接法构建了系统发育树，二者的拓扑结构基本一致，仅支持率略有差异，最大似然法构建的系统发育树见图 1，ML 和 NJ 的 Bootstrap percentages (BP)支持率分别用 BP^1 和 BP^2 表示。结果显示，本研究的序列与来自西班牙的孔生胶瘤菌标本 AM20 序列聚在一起，获得很高的支持率（BP^1 = 100, BP^2 = 100），且与包括模式种 *Carcinomyces effibulatus* 在内的胶瘤菌属物种以高支持率（BP^1 = 99, BP^2 = 98）聚为一支。

基于标本 HKAS 115765 进行的形态特征研究，结果如下。

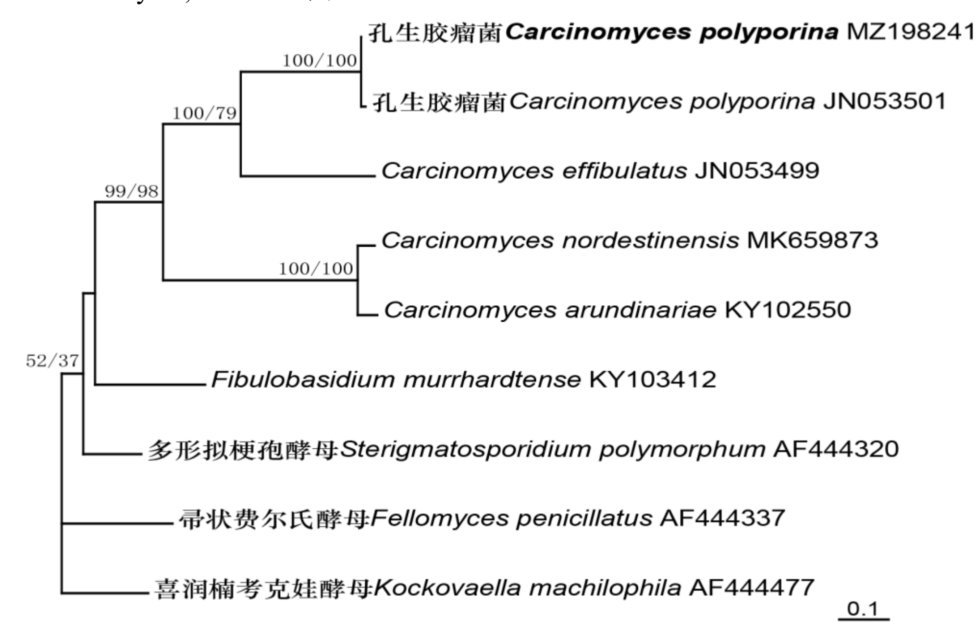
寄生于多孔菌的子实层上（图 2），形成半透明至透明的胶质状菌瘿，新鲜时稍具乳白色，干燥后变薄膜状，呈土褐色至黑褐色。分生孢子梗与分生孢子常见；分生孢子梗短棒状；分生孢子长椭圆至纺锤形，光滑，薄壁，(3.5) 4.4～5.4 (8.0) × (1.5) 2.5～3.0 (4.5) μm，Q_m = 1.80 ± 0.12。担子近球形，9.8～12.8 × 8.8～11.0 μm，具纵向分隔；小梗 2 个或 4 个，长可达 8 μm；担孢子球形至近球形，(4.8) 5.0～5.5 (6.0) × (4.5) 4.6～4.8 (5.1) μm，Q_m = 1.10 ± 0.01，常萌发形成分生孢子（图 3）。有锁状联合。

综合形态特征与分子系统学研究结果，确认该标本为孔生胶瘤菌：

Carcinomyces polyporina (D.A. Reid) A.M.Yurkov, 2015

= *Tremella polyporina* D.A. Reid, Trans. Br. Mycol. 1970

分布：英国（Reid, 1970；Roberts, 2007）、北美（Setliff, 1982）、西班牙（Millanes et al., 2011）、波兰（Karasiński & Wołkowycki, 2015）、中国。

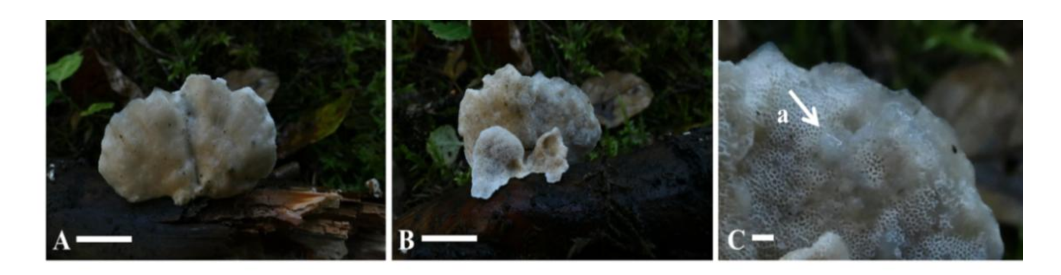


分支上从左到右分别为 ML 和 NJ 经 1 000 次重复后的 Bootstrap 支持率。

The bootstrap percentages (BP) of maximum likelihood and neighbor-joining analyses from 1 000 replicates were shown respectively from left to right on the major branches resolved.

图 1 基于 ITS 序列采用最大似然法构建的分子系统发育树

Fig.1 Molecular phylogenetic tree based on an ITS dataset using maximum likelihood

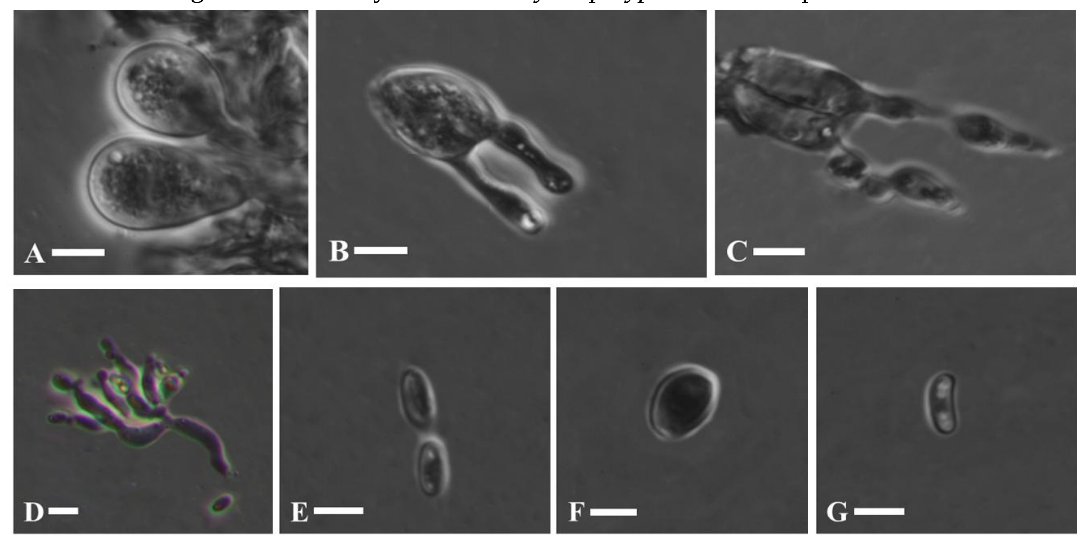


A. 宿主菌的背面观；**B**. 宿主菌的腹面观；**C**. 宿主菌子实层及生长于其上的孔生胶瘤菌菌瘿。**a**. 胶质状的孔生胶瘤菌菌瘿。标尺：**A**, **B**=5 mm，**C**=2 mm。

A. The dorsal view of parasitifer；**B**. The ventral view parasitifer；**C**. The hymenium of parasitifer and the gelatinous mycocecidium of *C. polyporina* on it. **a**. The gelatinous mycocecidium of *C. polyporina*. Bars：**A**, **B**=5 mm, **C**=2 mm.

图 2 孔生胶瘤菌及其宿主菌的宏观形态

Fig.2 The fruitbody of *Carcinomyces polyporina* and its parasitifer



A. 孔生胶瘤菌的原担子；**B**. 孔生胶瘤菌纵裂的成熟担子；**C**. 孔生胶瘤菌的担孢子萌发；**D**. 孔生胶瘤菌的分生孢子梗；**E**. 孔生胶瘤菌的椭圆形分生孢子；**F**. 孔生胶瘤菌的近球形担孢子；**G**. 宿主菌的腊肠形担孢子。标尺=5 μm。

A. Probasidium of *C. polyporina*; **B**. The basidium with longitudinally septation of *C. polyporina*; **C**. Basidiospore germination of *C. polyporina*; **D**. The conidiophore of *C. polyporina*; **E**. The elliptic conida of *C. polyporina*; **F**. The subglobose basidiospores of *C. polyporina*; **G**. The botuliform basidiospores of parasitifer.Bars=5 μm.

图 3 孔生胶瘤菌和宿主菌的显微结构

Fig.3 Microstructure of *Carcinomyces polyporina* and its parasitifer

3 讨论

本研究基于分子系统学与形态学研究的结果，证实采自甘肃连城国家级自然保护区的标本 HKAS 115765 为 *Carcinomyces polyporina*，是我国的新记录属、种。*Carcinomyces* 源于希腊文 Καέξχος，意为“癌症、肿瘤”，又因其胶质状的子实体，故将其中文名拟为“胶瘤菌”；其种加词 *polyporina* 表示该物种常寄生于多孔菌类真菌的子实层上，所以本文将该种的中文名拟定为“孔生胶瘤菌”。王耀等（2010）报道链孢耳菌（*Syzygospora mycetophila*）在中国的分布时，曾提及该物种所属的科 Carcinomycetaceae，但并未给出相应的中文名称，本文根据词语含义，将其中文名拟定为“胶瘤菌科”。

系统分类研究方面，胶瘤菌属的模式种 *Carcinomyces effibulatus* 曾被研究者置于链孢耳属中（Ginns，1986），链孢耳属目前隶属于线黑粉菌目（Filobasidiales）、线黑粉菌科（Filobasidiaceae）（Millanes et al., 2011；Liu et al., 2015），Index Fungorum 系统目前采信这一处理，将胶瘤菌属放置于线黑粉菌目、线黑粉菌科（http://www.indexfungorum.org/Names/NamesRecord.asp?RecordID=823057）。但是，Liu 等（2015）构建的

银耳纲系统发育树显示，*Carcinomyces effibulatus*、*C. arundinariae* 和 *C. polyporina* 以高支持率单独聚为一支，形成了银耳目中的 1 个单属科——胶瘤菌科；而链孢耳属的模式种 *Syzygospora alba* 则位于线黑粉菌目、线黑粉菌科的分支上，与胶瘤菌属亲缘关系较远。

形态特征方面，胶瘤菌属物种大多寄生于担子菌的子实体上，并在宿主上形成菌瘿，担子近球形或圆柱形，成熟后具有纵向或十字形分隔；而线黑粉菌科物种多寄生在地衣上，担子管状或长棒状，无隔。因此目前分子系统学和形态解剖学的证据均显示，胶瘤菌属应隶属于银耳目、胶瘤菌科，而非线黑粉菌目、线黑粉菌科，Index Fungorum 系统中胶瘤菌属的系统发育位置相关信息需要进行订正。

胶瘤菌属目前确认的物种仅 4 种：*Carcinomyces effibulatus*（模式种）（Ginns, 1978）、*Carcinomyces arundinariae*（Fungsin et al., 2002）、*Carcinomyces nordestinensis*（Crous et al., 2019）和孔生胶瘤菌(*Carcinomyces polyporina*)（Reid, 1970）。作为寄生型的真菌，这些物种的寄生方式复杂而独特，例如，*Carcinomyces effibulatus* 目前仅发现寄生在栎金钱菌（*Collybia dryophila*）的子实体上（Ginns, 1986）；*C. nordestinensis* 被发现寄生于红心凤梨（*Bromelia antiacantha*）的叶片上，同时也是紫花风铃木（*Handroanthus impetiginosus*）的内生菌（Crous et al., 2019）；孔生胶瘤菌的已知宿主有奶油波斯特孔菌（*Tyromyces lacteus*）和波状薄孔菌（*Antrodia sinuosa*）（Reid, 1970；Roberts, 2007）。本研究标本的宿主总 DNA 未能获得，仅根据子实体擦伤变蓝、担孢子腊肠形等形态特征，推测是波斯特孔菌或其近缘类群，但准确的鉴定还有待更多标本的获得和研究。

孔生胶瘤菌此前在欧洲、美国均有报道（Reid, 1970；Setliff, 1982；Roberts, 2007；Millanes et al., 2011），此次在我国的发现，是该物种在东亚地区的首次报道。随着真菌多样性研究的广度和深度不断拓展，孔生胶瘤菌和胶瘤菌属其他物种必然会在更多的地方被发现，其分布规律和生态特征也会更加明晰。

参考文献：

WHITE TJ, BRUNS T, LEE S, et al., 1990. PCR protocols: a guide to methods and applications. Amplification and direct sequencing of fungal ribosomal RNA genes for phylogenetics[M]. San Diego: Academic Press: 315-322.

CROUS PW, CARNEGIE AJ, WINGFIELD MJ, et al., 2019. Fungal Planet description sheets: 868–950[J]. Persoonia, 42: 291-473.

FUNGSIN B, TAKASHIMA M, ARTJARIYASRIPONG S, et al., 2002. *Bullera arundinariae* sp. nov., a new species of ballistoconidium-forming yeast isolated from a plant in Thailand[J]. Microbiol Cult Collect, 18: 83-90.

GINNS J, SUNHEDE S, 1978. Three species of *Christiunsenia* (Corticiaceae) and the teratological galls on *Collybia dryophila*[J]. Bot Notiser, 131: 167-173.

GINNS J, 1986. The genus *Syzygospora* (Heterobasidiomycetes: Syzygosporaceae)[J]. Mycologia, 78(4): 619-636.

HALL TA, 1999. BioEdit: a user-friendly biological sequence alignment editor and analysis program for Windows 95/98/NT[J]. Nucl Acids Symp Ser, 41: 95-98.

KARASIŃSKI D, WOŁKOWYCKI M, 2015. An annotated and illustrated catalogue of polypores (Agaricomycetes) of the białowieża forest (NE Poland)[J]. Pol Bot J, 60(2): 217-292.

LIU XZ, WANG QM, GÖKER M, et al., 2015. Towards an integrated phylogenetic classification of the Tremellomycetes[J]. Stud Mycol, 81: 85-147.

MILLANES AM, DIEDERICH P, EKMAN S, et al., 2011. Phylogeny and character evolution in the jelly fungi (Tremellomycetes, Basidiomycota, Fungi)[J]. Mol Phylogenet Evol, 61(1): 12-28.

OBERWINKLER F, BANDONI R, 1982. Carcinomycetaceae: a new family in the Heterobasidiomycetes[J]. Nord J Bot, 2(5): 501-516.

REID DA, 1970. New or interesting records of British Hymenomycetes, IV[J]. Trans Brit Mycol Soc, 55(3): 413-441.

ROBERTS P, 2007. British *Tremella* species IV: *Tremella obscura*, *T. penetrans*, *T. giraffa* & *T. polyporina*[J].

Field Mycol, 8(4): 127-133.

SETLIFF EC, 1982. *Tremella polyporina* from New York State[J]. Can J Bot, 60(6): 1028-1029.

STAMATAKIS A, 2014. RAxML version 8: a tool for phylogenetic analysis and post-analysis of large phylogenies[J]. Bioinformatics, 30(9): 1312-1313.

WANG Y, FAN YG, TULIGUER, 2010. Checklist of macrofungi collected from different forests in Changbai Mountain(III): Coniferous forest[J]. J Fungal Res, 8(4): 200-210. [王耀，范宇光，图力古尔，2010. 长白山不同植被带大型真菌多样性调查名录III针叶林带[J]. 菌物研究，8(4)：200-210.]

WU G, LI YC, ZHU XT, et al., 2016. One hundred noteworthy boletes from China[J]. Fungal Divers, 81(1): 25-188.